FIGURE 1

SEQ ID NO:10	MATTQSCQSRSSACSKAAACFPAAVAVDEEHGHHSHQLKGGAQEEAENDNNKPELRRGFW
SEQ ID NO:14	M
SEQ ID NO:26	MGRPPCCDKVGVKKGPW
SEQ ID NO:30	MDKKQLCNTSQD-PEVRKGPW
SEQ ID NO:32	MDKK-LGNTSHD-PEVRKGPW
SEQ ID NO:34	MDKKPCDSS-HD-PEVRKGPW
SEQ ID NO:36	MDKKQQCKTSQD-PEVRKGPW
SEQ ID NO:42	MSTIAKRDLSSNEEESELRRGPW
SEQ ID NO:44	MSSNTLLSSEDEMDGRGPW
SEQ ID NO:46	MBEKGARSSNTLLSCEDEMDLRRGPW
SEQ ID NO:48	MSTSKSVSSSEDDNEIRRGPW
SEQ ID NO:50	MSTSKSVSSSEDDNELRRGPW
SEQ ID NO:54	MGRPPCCDKEGVKKGPW
SEQ ID NO:63	MDKKPC-NSSQD-PEVRKGPW
	. 1
	* ** * *** ****** * ** * * * * * * *
SEQ ID NO:10	TVDEDLTLVNYIADNGEGRWNNLARAAGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVKRGNFSADE
SEQ ID NO:14	TEQEDVQLVWFVRLLGERRWDFLAKVSGLQRSGKSCRLRWVNYLHPGLKRGRMSPEE
SEQ ID NO:26	TPEEDLMLVSYIQEHGAGNWRAVPTNTGLMRCSKSCRLRWTNYLRPGIKRGNFTEQE
SEQ ID NO:30	TMEEDLILINYIANHGEGVWNSLAKAAGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITPEE
SEQ ID NO:32	TMEEDLILITYIANHGEGVWNSLAKAAGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITPEE
SEQ ID NO:34	IMEEDLILINYIANHGEGVWNSLAKASGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITPEE
SEQ ID NO:36	TMEEDLILMNYIANHGEGVWNSLAKAAGLKRNGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITPEE
SEQ ID NO:42	TLEEDSLLIHYIARHGEGRWNMLAKSAGLKRTGKSCRLRWLNYLKPDIKRGNLTPQE
SEQ ID NO:44	TVDEDLTLINYVATHGEGRWNTLALSAGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITLEE
SEQ ID NO:46	TVDEDLTLINYIATHGEGRWNTLALSAGLKRTGKSCRLRWLNYLRPDVRRGNITLEE
SEQ ID NO:48	TLEEDNLLSQYIFNHGEGRWNLLAKRSGLKRTGKSCRLRWLNYLKPDVKRGNLTPQE

	HLQQAAAAAAGGAANDLAAGAYDVRQL ——HALPSSGWAATSSSDSLASESYDDGGLLFAN ————PEDB —————SARASGLQAQHHEDQHQLFLH - PIWNDDI I UDVDCWSSSTNIVVA AAAAATPAGSSAA———YASSADNI ARLLQGWMR — PGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG	200
ID NO:36 ID NO:42 ID NO:44 ID NO:46 ID NO:50 ID NO:54 ID NO:56	ID NO:10 ID NO:14 ID NO:14 ID NO:26 ID NO:32 ID NO:32 ID NO:34 ID NO:46 ID NO:46 ID NO:46 ID NO:46 ID NO:46 ID NO:46 ID NO:50 ID NO:50 ID NO:50	
SEQ III	SSEQ II	

TOPISIA ARIUNDI

LRAGEMLMDGGDWAAQCEADQGLWPPPPPPSDLDQSVVQAAGAGAGQFQDPP	301
SEQ ID NO:14 SEQ ID NO:14 SEQ ID NO:26 SEQ ID NO:30 SEQ ID NO:33 SEQ ID NO:34 SEQ ID NO:42 SEQ ID NO:44 SEQ ID NO:46 SEQ ID NO:46 SEQ ID NO:46 SEQ ID NO:55 SEQ ID NO:55 SEQ ID NO:55 SEQ ID NO:55	

*	MELSGWVQGFSESITDNFWALEEIWKMQ	PLWDIDDAFFCSDYSLPLWG	TETSKMATGGGAGGPAPAFSMLESWLLDDGGMGLMDVVPLGDPSEFF	INPDQGD	-NPHHSSCCTNDDDNN-NYWSMEDIWSMQL-ANY	SMINQVVVPATTTIGASRISGRLCNYSMEIN	INPDQSSCCTNDNNN-INYWSMEDSWSMQLLNGD		KWG	-PNTPWNMQSGDSSDNFWDVESMLFLEQQLMNDNM-	MVGSNWV	RDLV	VLQDESKPDINIAAEIMPFSLLEKWLLDEAGCQEKLVGCCGDAK-FF	INNDHHQNSNCCANDNNNN-NYWSMEDIWSMQLLNGD	361 410
	SEQ ID NO:10	ID NO:14	ID NO:26	ID NO:30	ID NO:32	ID NO:34	ID NO:36	ID NO:42	ID NO:44	ID NO:46	ID NO:48	ID NO:50	ID NO:54	ID NO:63	
	SEQ IL	SEQ IL	SEQ ID	SEQ ID	SEQ ID	SEQ IL	SEQ ID	SEQ IL	SEQ IL	SEQ II	SEQ II	SEQ IL	SEQ IL	SEQ IL	